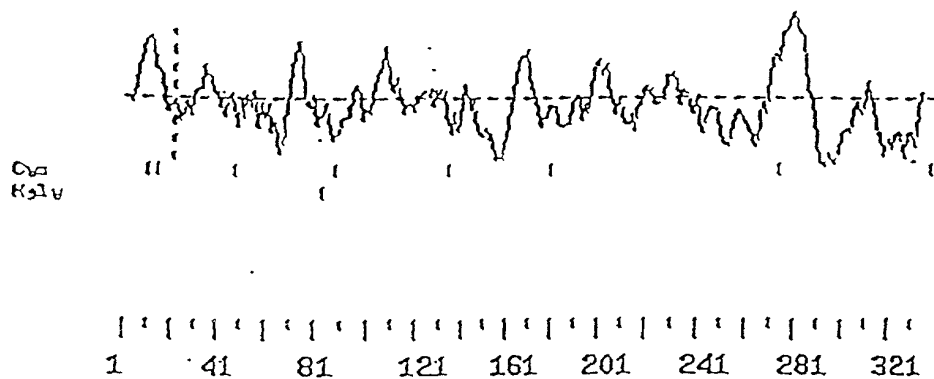


GGAGTCGACCCACCGCTCCGCAGGGCTGAGGAACC	H S P S P T A L F C L	11
ATG TCT CCA TCC CCG ACC GCC CTC TTC TGT CTT		68
G L C L G R V P A Q S G P L P K P S L Q		31
GGG CTG TGT CTG GGG CGT GTG CCA GCG CAG AGT GGA CCG CTC CCC AAG CCC TCC CTC CAG		128
A L P S S L V P L E K P V T L R C Q G P		51
GCT CTG CCC AGC TCC CTG GTG CCC CTG GAG AAG CCA GTG ACC CTC CGG TGC CAG GGA CCT		168
P G V D L Y R L E K L S S S R Y Q D Q A		71
CCG GGC GTG GAC CTG TAC CGC CTG GAG AAG CTG AGT TCC AGC AGG TAC CAG GAT CAG GCA		248
V L F I P A H K R S L A G R Y R C S Y Q		91
GTC CTC TTC ATC CCG GCC ATG AAG AGA AGT CTG GCT GGA CGC TAC CGG TGC TCC TAC CAG		308
N G S L W S L P S D Q L E L V A T G V F		111
AAC GGA AGC CTC TGG TCC CTG CCC AGC GAC CAG CTG GAG CTC GTT GCC ACG GGA GTT TTT		368
A K P S L S A Q P G P A V S S G G D V T		131
GCC AAA CCC TCG CTC TCA GCC CAG CCC GGC CCG GCG GTG TCG TCA GGA GGG GAC GTA ACC		428
L O C Q T R Y G F D Q F A L Y K E G D P		151
CTA CAG TGT CAG ACT CGG TAT GGC TTT GAC CAA TTT GCT CTG TAC AAG GAA GGG GAC CCT		488
A P Y K N P E R W Y R A S F P I I T V T		171
GCG CCC TAC AAG AAT CCC GAG AGA TGG TAC CGG GCT AGT TTC CCC ATC ATC ACG GTG ACC		548
A A H S G T Y R C Y S F S S R D P Y L W		191
GCC GCC CAC AGC GGA ACC TAC CGA TGC TAC AGC TTC TCC AGC AGG GAC CCA TAG CTG TGG		608
S A P S D P L E L V V T G T S V T P S R		211
TGG GCC CCC AGC GAC CCC CTG GAG CTT GTG GTC ACA GGA ACC TCT GTG ACC CCC AGC CGG		668
L P T E P P S S V A E F S E A T A E L T		231
TTA CCA ACA GAA CCA CCT TCC TCG GTA GCA GAA TTC TCA GAA GCC ACC GCT GAA CTG ACC		728
V S F T N K V F T T E T S R S I T T S P		251
GTC TCA TTC ACA AAC AAA GTC TTC ACA ACT GAG ACT TCT AGG AGT ATC ACC ACC AGT CCA		788
K E S D S P A G P A R Q Y Y T K G N L V		271
AAG GAG TCA GAC TCT CCA GCT GGT CCT GCC CGC CAG TAC TAC ACC AAG GGC AAC CTG GTC		848
R I C L G A V I L I I L A G F L A E D H		291
CGG ATA TGC CTC GGG GCT GTG ATC CTA ATA ATC CTG GCG GGG TTT CTG GCA GAG GAC TGG		908
H S R R K R L R H R G R A V Q R P L P P		311
CAC AGC CGG AGG AAG CGC CTG CGG CAC AGG GGC AGG GCT GTG CAG AGG CCG CTT CCG CCC		968
L P P L P Q T R K S H G G Q D G G R Q D		331
CTG CCG CCC CTC CCG CAG ACC CGG AAA TCA CAC GGG GGT CAG GAT GGA GGC CGA CAG GAT		1028
V H S R G L C S		340
GTT CAC AGC CGC GGG TTA TGT TCA TGA		1055

FIGURE 1a

CCGCTGAACCCCAAGGCACGGTTCGTATCCAAAGGGAGGGGATCATGGCATGGGAGGCGACTCAAAGAATCGCGTGTGTGGAG	1134
CGTGGAAAGCAGGAGGGCAGAGGGCTACAGCTGTGGAAACGAGGCCATGCTGCCCTCCTCCTGGTGTTCATCAGGGAGCCC	1213
TTGGGCCAGTGTCTGTCTGTCTGTCTGCCCTCTCTGTCTGAGGGCACCCCTCCATTGTGGGATGGAAGGAATCTGTGGAGAC	1292
CCCATCCTCCTCCTGCACACTGTGTGATGACATGGTACCCTGGCTGGACCACATACTGGCCTCTTTCTTCAACCTCTCT	1371
AATATGGGCTCCAGACGGATCTCTAAGGTTCCCAAGCTCTCAGGGTTGACTCTGTTCCATCCTCTGTGTCAAAATCCTCCT	1450
GTGCTTCCCTTTGGCCCTCTGTGCTCTGTCTGGTTTTCCCAAGAACTCTCACCCCTCACTCCATCTCCCACTGGGGTC	1529
TAACAAAATCTCCTTTGCTCTCTCAGAACGGGTCTTGACGGCAGTTTGGGTATGTCATTTCATTTTCCTTAGTGTA AAACT	1608
AGCAGCTTGCCCGCTTCCCTTCACATTAGAAAAAAGATCAGCCTGTGCAACATGGTGAAACCTCATCTCTACCAACAA	1687
AACAAAAAAACACAAAAATTAGCCAGGTGTGGTGGTGATCCCTATACTCCAGCAACTCGGGGGGCTGAGGTGGGAGA	1766
ATGGCTTGAGCCTGGGAGGCAGAGGTGTCAGTGAGCTGAGATCACACCACTGCACTCTAGCTCGGGGTGACGAAGCCTGA	1845
CCTGTCTCAAAAAATACAGGGATGAATATGTCAATTACCTTGATTGATCATAGCACGTGTATACATGTACTGCAAT	1924
ATTGCTGTCCACCCCATAAATATGTACAATTATGTATACATTTTAAAAATCATAAAAATAAGATAATGAAAAA AAAAAA	2003
AAAAAAAAAAAAAAGGCGGGCCGCTAGACTAGTCTAGAGAACA	2047

FIGURE 1b



MSPSPTALFCLGLCLGRVPAQSGPLPKPSLQALPSSSLVPLEKPVTLRCQGPPGVDLYRLE
KLSSSRYQDQAVLFIPAMKRSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGVFAKPSLSAQF
GPAVSSGGDVTLCQTRYGFDQFALYKEGDPAPYKNPERWYRASFPITVTAHSGTYRC
YSESSRDPLYWSAPSDPLELVVTGTSVTPSRLPTEPPSSVAEFSEATAELTVSFTNKVFT
TETSRISITTSPEKESDSPAGPARQYTTKGNLVRICLGAVILIILAGFLAEDWHSRRKRLRH
RGRAVQRPLPPLPPLPQTRKSHGGQDGGGRQDVHSRGLCS

FIGURE 2

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
 version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
 > U91928 ORF 1893 aa vs.
 > ht268 ORF 1017 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 37.7% identity; Global alignment score: -8

```

      10      20      30      40      50      60      70
inputs ATGACGCCCCGCTCACAGCCCTGCTCTGCGCTGGGCTGAGTCTGGGCCCCAGGACCCGCGTGCAGGCAG
      ::::: :: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      ATGTCTCCATCCCCGACCGCCCTCTTCTGCTCTGGGCTGTGTCTGGGGCG-TGTGCCAGC--GCAGAGTG
      10      20      30      40      50      60

      80      90      100      110      120      130
inputs GGCOCCTCCCCAAACCCACCCCTCTGGGCTGAGCCAGGCTCTGTGAT-CAGCTGGGGGAGCCCCGTGACCA
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      GACCGCTCCCCAAGCCCTCCCTCCAGGCTCTGCCAGCTCCCTGGTGGCCCTGGAGAAAGCCA-GTGACCC
      70      80      90      100      110      120      130

      140      150      160      170      180      190      200
inputs TCTGCTGTACAGGGAGCCTGGAGGCCAGGAGTACCGACTGGATAAAGAGGGAAGCCAGAGCCCTTGA
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      TCCGCTGCCAGGG--ACCT-----CCGGGCGTG--GACCTGTA-----CCGCTGGAG-----AAG
      140      150      160      170      180

      210      220      230      240      250      260      270
inputs CAGAAATAACCCACTGGAACCCAAGAACAAGGCCAGATTCTCCATCCCATCCATGACAGAGCACCATGGC
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      CTGAGTT--CCAGCAGGTACC-AGGATCA-GGCAGTCCTCTTCATCCCGGCCATGAAGAGAAAGTCTGGCT
      190      200      210      220      230      240

      280      290      300      310      320      330      340
inputs GGGAGATACCGCTGCCACTATTACAGCTCTGCAG--GCTGGTCAGAGCCCAGCGACCCCTGGAGCTGGT
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      GGAACGCTACCGCTGCTCTAC--CAGAACGGAAGCCTCTGGTCCCTGCCAGCGACAGCTGGAGCTGGT
      250      260      270      280      290      300      310

      350      360      370      380      390      400      410
inputs GATGACAGGATTCTACAACAAACCCACCCCTCTCAGCCCTGCCAGCCCTGTGGTGGCTCAGGGGGGAAT
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      TGCCAGGGAGTTTTTGCCAAACCCCTCGCTCTCAGCCAGCCCGGCCCGGGGTGTGTCTCAGGAGGGGAC
      320      330      340      350      360      370      380

      420      430      440      450      460      470      480
inputs ATGACCCCTCCGATGTGGCTCACAGAGGGATATCACCATTGTGTTCTGATGAAGGAAGGAGAACACCAGC
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
      GTAAACCTACAGTGTACAGACTGGGTATGGCTTTGACCAATTGCTCTGTACAGGAAGG-----
      390      400      410      420      430      440

      490      500      510      520      530      540      550
inputs TCCCCCGACCCCTGGACTCACAGCAGCTCCACAGTGGGGGTTCCAGGCCCTGTTCCTGTGGGCCCCGT
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::

```

FIGURE 3a

```
-----GGACCCTG-----C-----GCCCTA-----CAA
          450                      460

inputs 560    570    580    590    600    610    620
       GAACCCACGCCACAGGTGGAGGTTACATGCTATTACTATTATATGAACACCCCCACAGGTGTGGTCCCAC
       ::: :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       GAATCCCGA-----GACATGGTAC-CGGGCTAGT-----TT-----CCCCAT-----CAT
          470          480          490                      500

inputs 630    640    650    660    670    680    690
       CCCAGTGACCCCTGGAGATTCTGCCCTCAGGCGTGTCTAGGAAGCCCTCCCTCTGACCCTGCAGGGCC
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       CACGGTGACCGCC-----GCCACAG-----
          510          520

inputs 700    710    720    730    740    750    760
       CTGTCTGGCCCTGGGCGAGAGCCTGACCTCCAGTGTGGCTCTGATGTGGGCTACGACAGATTGTGTCT
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       -----CGGAACCTA-----CCGATG-----CTACAGC-----TTCT
          530                      540          550

inputs 770    780    790    800    810    820    830
       GTATAAGGAGGGGGAACGTGACTTCCTCCAGCGCCCTGGCCAGCAGCCCCAGGCTGGGCTCTCCAGGGCC
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       -----CCAGCAG-----

inputs 840    850    860    870    880    890    900
       AACTTCACCCCTGGGCCCCTGTGAGCCCCTCCCACGGGGCCAGTACAGGTGCTATGGTGACACAACTCT
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       -----GGACCCA-----TACCT--
          560

inputs 910    920    930    940    950    960    970
       CCTCCGAGTGGTGGGCCCCCAGCGACCCCTGAACATCCTGATGGCAGGACAGATCTATGACACCGTCTC
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       -----GTGGTGGGCCCCCAGCGACCCCTGGA-----GCT-----TGTC-----
          570          580          590                      600

inputs 980    990    1000    1010    1020    1030    1040
       CCTGTCAGCACAGCGGGGCCCCACAGTGGCCCTCAGGAGAGAACTGACCCCTGCTGTGTGATCATGGTGG
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       -----GTCA-----CAGGAACCTCTGTGACC-----CCCAGC-----CGGT-----
          610          620                      630

inputs 1050    1060    1070    1080    1090    1100    1110
       CAGTTTGACACTTTTCTTCTGACCAAGAAGGGGCGAGCCCATCCCCCACTGGCTCTGAGATCAATGTACG
       : :::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .::: .:::
       -----TACCAACAGAAC-----CA-----OCTTCC-----TCG
          640          650

1120    1130    1140    1150    1160    1170    1180
```

FIGURE 3b

```

inputs  GAGCTCATAAGTACCAGGCTGAATTCCCATGAGTCTCTGTGACCTCAGCCACGCGGGGACCTACAGGTG
        :..          :.:.:.:.: :          :.:.:.:.:          :.: :.          :.:. :
        GTA-----GCAGAAATTC-----AGAAGCCAC-----CGCTCA-----ACTG-----A
        660          670          680          690

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
inputs  CTACGGCTCATACAGCTCCACCCCCACCTGCTGTCTTTCCCCAGTGAGCCCTGGAACTCATGGTCTCA
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        C--CGTCTCATTC-----CAAC-----AAGTCTT-----CACAA-----CTGAGACT-----TCT--
        700          710          720          730

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
inputs  GGACACTCTGGAGGCTCCAGCCTCCACCCACAGGGCGCGCTCCACACCTGGTCTGGGAAGATACCTGG
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        -----AGGAGTATC--ACCACCACTCGAAGGA--GTCAGACTCTCCAG--CTGG-----
        740          750          760          770

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
inputs  AGGTTTIGATTGGGGTCTCGGTGGCGCTTCTGCTCTGCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCCGAGC
        : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        -----TCCTGC-----CCGCCAGTA-----CTACACCAAGG
        780          790          800

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
inputs  TCAGCGTCAAGCAACACAGGACATCTGACCAGAGAAAGACTGATTTCCAGCGTCTCGAGGGGCTGGC
        :.: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        GCAAC-----CTGGTC-----CGGATAT--GCCTC-----GGGGCTG--
        810          820          830

1470      1480      1490      1500      1510      1520      1530
inputs  GAGACAGAGCCCAAGGACAGGGGCGCTGCTGAGGAGGTCCAGCCCAGCTGCTGACGTCCAGGAAGAAAACC
        :.: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        -----TGATCCTAATAA-----TCCTG--CGCGGGTTTCTG-----GCAGA--CGACTGG-----C
        840          850          860          870

1540      1550      1560      1570      1580      1590      1600
inputs  TCTATGCTGCGGTGAAGGACACACAGTCTGAGG--ACAGGGTGGAGCTGGACAGT--CAGAGCCCACAGAT
        :.: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        AC-----AGCGG--GAGGAAGCGC--CTGCGGCACAGGG-----GCAGGCTGTGCAGAGGCGCGCT--
        880          890          900          910          920

1610      1620      1630      1640      1650      1660      1670
inputs  GAAGACCCCCAGGCAGTGACGTATGCCCGGTGAACAACTCCAGTCTTAGGAGAGAAATGGCCTCTCTCTC
        :.: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        -----TCC-----GCCCCG-----CCGC-----C
        930          940

1680      1690      1700      1710      1720      1730      1740
inputs  CCTCTCACTGTCTGGGAATTCCTGGACACAAAGGACAGAGGTGGAAGAGGACAGGCAGATGGACAC
        :.: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
        CCTCC--CGCAGAC-----CGGGAATCA--CA--CGGG-----GGTCAGG--ATGGA-----
        950          960          970          980

```

FIGURE 3c

```
      1750      1760      1770      1780      1790      1800      1810
inputs  TGAGGCTGCTGCATCTGAAGCCTCCCAGGATGTGACCTACGCCACGCTGCACAGCTTGACCCCTTAGACGG
      :::      :::      :::::      :::::      :::::      ::
      ---GGC---CGAC-----AGGATGTT-----CAGAGC-----CG-
                        990                        1000

      1820      1830      1840      1850      1860      1870      1880
inputs  AAGGCAACTGAGCCTCCTCCATCCCAGGAAGGGGAACCTCCAGCTGAGCCCAGCATCTACGCCACTCTGG
                        :::::      ::
      -----CGGCTTATC-----TTCA-----
                        1010

      1890
inputs  CCATCCAC
      -----
```

FIGURE 3d

ALIGN calculates a global alignment of two sequences

version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

> ht268 a.a. 339 aa vs.

> GenPept U91928 - Human clone HL9 monocyte inhib 631 aa

scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4

23.0% identity; Global alignment score: -642

```

      10      20      30      40      50      60
inputs HSPSPTALFCLGLCLG-RVPAQSCPLPKPSLQALPSSSLVPLEKPVTLRCQGPVVDLYRLEKLSSS----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      HTPALTALLCLGLSLGPRTRVQACFPFKPTLWAEPGSVISWGSPTIHCQGSLEAQEYRLDKEGSPEPLD
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100     110     120     130
inputs RYQ-----DQAVLFIPAKGRSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGVFAKPSLSAQFGPAVSSGGDV
      : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      RHNPLEPKMKARFSIPSMTEHHAGRYRCHYSSAGHSEPSDPLELVMTGFYNKPTLSALPSPVVASGGNM
      80      90      100     110     120     130     140

inputs TLQCQT-----RY-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TLRCGSQKGYHHFVLMKEGEHQLPRITLDSQQLHSGGFQALFPVGPVNPSPHRWFTCYYYYYHNTPQVWSHP
      150     160     170     180     190     200     210

      140     150
inputs -----GFDQFALYKEGDP-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      SDPLEILPSCGVSRRKPSLLTLQGPVLAPGQSLTLQCGSDVGYYORFVLYKEGERDFLQRPQQPQAGLSQAN
      220     230     240     250     260     270     280

      160
inputs -----APYK-----NP-----ERW-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      FTLCGVSPSHGGQYRCYCAHNLSSSEHSAPSOPLNILMAGQIYDITVSLSAQPGPTVASGENVTLLCQSHWQ
      290     300     310     320     330     340     350

      170     180     190     200
inputs -----YRASFPITVTAAHSGTYRCYSFSSRDPLYLWSAPSDFLELVVTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      FDTFLLTKEGAANKPPLRLRSHYGAHKYQAEFPHSPVTSAHAGTYRCYGSYSSNPHLSPFPSEPLELHVSG
      360     370     380     390     400     410     420

      210     220     230     240     250     260
inputs TSVTPSRLPTEPPSS--VAEFSEATAELTVSFTNKVF-----TTETSRSIITSPKESD--SPAGPA-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      HSGGSSLPPTGPPSTPGLGRYLEVLIGVSVAFVLLLFLLLFLLLRQRHSHKRTSDQRKTDQRPAGAAE
      430     440     450     460     470     480     490

      270     280     290
inputs RQYYTKGHLVRICLGAVIL--IILAGFLAEDH-----HSRRKR-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

FIGURE 4a

[illegible]

FIGURE 4b

Alignments of top-scoring domains:

1g: domain 1 of 2, from 41 to 90: score 4.1, E = 6.1

```

      *->GesvtLtCsvgfgppgvsvtWYfkngk.lgpsllgysysrlesgek
      . + vL+C+          + v Y + k ++          .r++ +
ht268  41  EKPVTLRQGP-----PGVDLY-RLEKISSS-----RYQDQ-- 70
      anlsegrfsissltLtissvekeDsGtYtCvv<-*
      ++L i    +++ +G Y+C
ht268  71  -----AVLFIPAMKRSLAGRYRCSY      90

```

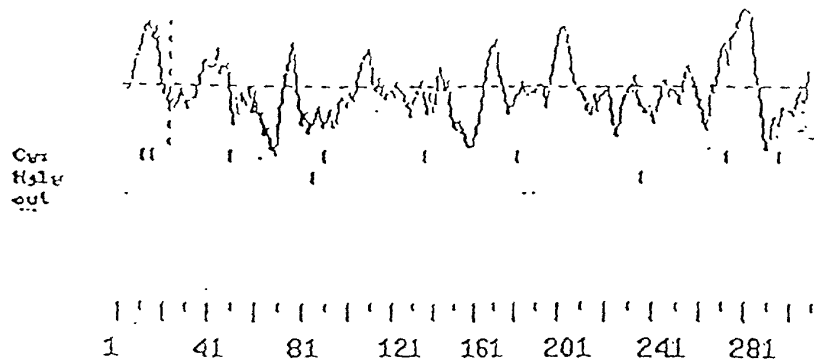
FIGURE 5A

ig: domain 2 of 2, from 127 to 182: score 19.1, E = 0.1
 *->GesvtLtCsvgfgppgvsvtkyfkngk.lgpsllgysysrlesgek
 G++vtL+C+++ + ++ Y k+g++ + y+++
 hT268 127 GGDVTLQCQTR---YGFDDQFALY-KEGDpAP-----YKNPERWYR-- 162
 anlsegrfsissltLtissvekeDsGtYtCv<-*
 ++++i++v++ sGtY+C
 hT268 163 -----ASFPIITVTAHSGTYRCYS 182

FIGURE 5B

GAGTCGACCCACGCGCTCCGCTTCCCTGCTTGGCCACATAGCTCAGGACTGGGTTGCAGAACCC ATG TCT CCA GCC 4
 74
 S P T F F C I G L C V L Q V I O T Q S G 24
 TCA CCC ACT TTC TTC TGT ATT GGG CTG TGT GTA CTG CAA GTG ATC CAA ACA CAG AGT GGC 134
 P L P K P S L Q A Q P S S L V P L G Q S 44
 CCA CTC CCC AAG CCT TCC CTC CAG GCT CAG CCC AGT TCC CTG GTA CCC CTG GGT CAG TCA 194
 V I L R C Q G P P D V D L Y R L E K L K 64
 GTT ATT CTG AGG TGC CAG GGA CCT CCA GAT GTG GAT TTA TAT CGC CTG GAG AAA CTG AAA 254
 P E K Y E D Q D F L F I P T H E R S H A 84
 CCG GAG AAG TAT GAA GAT CAA GAC TTT CTC TTC ATT CCA ACC ATG GAA AGA AGT AAT GCT 314
 G R Y R C S Y Q N G S H W S L P S D Q L 104
 GGA CGG TAT CGA TGC TCT TAT CAG AAT GGG AGT CAC TGG TCT CTC CCA AGT GAC CAG CTT 374
 E L I A T G V Y A K P S L S A H P S S A 124
 GAG CTA ATT GCT ACA GGT GTG TAT GCT AAA CCC TCA CTC TCA GCT CAT CCC AGC TCA GCA 434
 V P Q G R D V T L K C Q S P Y S F D E F 144
 GTC CCT CAA GGC AGG GAT CTG ACT CTG AAG TGC CAG AGC CCA TAC AGT TTT GAT GAA TTC 494
 V L Y K E G D T G P Y K R P E K W Y R A 164
 GTT CTA TAC AAA GAA GGG GAT ACT GGG CCT TAT AAG AGA CCT GAG AAA TGG TAC CGG GCC 554
 N F P I I T V T A A H S G T Y R C Y S F 184
 AAT TTC CCC ATC ATC ACA GTG ACT GCT GCT CAC AGT GGG ACG TAC CGG TGT TAC AGC TTC 614
 S S S S P Y L W S A P S D P L V L V V T 204
 TCC AGC TCA TCT CCA TAC CTG TGG TCA GCC CCG AGT GAC CCT CTA GTG CTT GTG GTT ACT 674
 G L S A T P S Q V P T E E S F P V T E S 224
 GGA CTC TCT GCC ACT CCC AGC CAG GTA CCC ACG GAA GAA TCA TTT CCT GTG ACA GAA TCC 734
 S R R P S I L P T N K I S T T E K P H N 244
 TCC AGG AGA CCT TCC ATC TTA CCC ACA AAC AAA ATA TCT ACA ACT GAA AAG CCT ATG AAT 794
 I T A S P E G L S P P I G F A H Q H X A 264
 ATC ACT GCC TCT CCA GAG GGG CTG AGC CCT CCA ATT GGT TTT GCT CAT CAG CAC TAT GCC 854
 K G N L V R I C L G A T I I I I L L G L 284
 AAG GGG AAT CTG GTC CGG ATA TGC CTT GGT GCC ACG ATT ATA ATA ATT TTG TTG GGG CTT 914
 L A E D W H S R K K C L Q H R H R A L Q 304
 CTA GCA GAG GAT TGG CAC AGT CGG AAG AAA TGC CTG CAA CAC AGG ATG AGA GCT TTG CAA 974
 R P L P P L P L A 314
 AGG CCA CTA CCA CCC CTC CCA CTG GCC TAG 1004
 AAATAACTTGGCTTTTCAGCAGAGGGATTGACCAGACATCCATGCACAACCATGGACATCACCCTAGAGCCACAGACAT 1083
 GGACATACTCAAGAGTGGGGAGGTTATATATAAAAAATGAGTGTGGAGAAATAAATGCAGAGCCAAACAGGTGAAAAAAA 1162
 A 1163

FIGURE 6



MSPASPTFFCIGLCVLQVIQTQSGPLPKPSLQAQPSSLVPLGQSVILRCQGPPDVDLYRL
EKLKPEKYEDQDFLFIP TMERSNAGRYRCSYQNGSHWSLPSDQLELIATGVYAKPSLSAH
PSSAVPQGRDVT LKQSPYSFDEFVLYKEGDTGPYKRPEKWYRANFPIITVTAHSGTYR
CYSFSSSSPYLWSAPSDPLVLVV TGLSATPSQVPT EESFPVTESSRRPSILPTNKISTTE
KPMNITASPEGLSPPIGFAHQHYAKGNLV RICLGATIIII LLGLLAEDWHSRKKCLQHRM
RALQRPLPPLPLA

FIGURE 7

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
 version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
 > U91928 ORF 1893 aa vs.
 > mt268 ORF 939 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 34.3% identity; Global alignment score: -836

```

      10      20      30      40      50      60      70
inputs ATGACGCCCGCCCTCACAGCCCTGCTCTGCCCTTGGGCTGAGTCTGGGCCCCAGGACCCCGGTGCAGGCG
      ::::: :: ::::: :: ::::: :::::
      ATGTCTCCAGCC-TCAC--CC---ACTTCTT---CTGTAT-----
      10      20      30

      80      90      100      110      120      130      140
inputs GGCCTTCCCCAAACCCACCCCTCTGGGCTGAGCCAGGCTCTGTGATCAGCTGGGCGAGCCCCCGTGACCAT
      ::::: :::::
      -----TGGGCTG-----TGTGTACTGC-----
      40

      150      160      170      180      190      200      210
inputs CTGGTGTACAGGGGAGCCTTGGAGGCCAGGACTACCGACTGGATAAAGAGGGGAAGCCAGAGCCCTTGGAC
      ::::: :::::
      -----AACTGATCC-----AAACACAGAG-----TGG--
      50      60      70

      220      230      240      250      260      270      280
inputs AGAAATAACCCACTGGAACCCAGAACAAGGCCAGATTCTCCATCCCATCCATGACAGAGCACCATGCCG
      ::::: :::::
      -----CCCACT---CCC---CAAG-----CCTTCCC-TCCAGG-----
      80      90

      290      300      310      320      330      340      350
inputs GGAGATACCCCTGCCACTATTACAGCTCTGCAGGCTGGTCTAGAGCCAGCGACCCCTGGAGCTGGTGAT
      : :::::
      -----CTCAGCC-----CAGTTCCCTG-GTACCCCTGGGTGAG-----
      100      110      120

      360      370      380      390      400      410      420
inputs GACAGGATTCTACAACAAACCCACCCCTCTCAGCCCTGCCAGCCCTGTGGTGGCCCTCAGGGGGGAATATG
      ::::: :::::
      -TCAG--TTATTC-----TGAGGTG-C--CAGGGA-----
      130      140      150

      430      440      450      460      470      480
inputs ACCCTCC-GATGTGGCTCACAGAAGGGATATCACCATTTTGTCTGTATGAAGGAAGGAGAACACAGCTC
      ::::: :::::
      --CCTCCAGATGTGG-----ATTATATGGCTGGAGAACTGAAA-----
      160      170      180      190

      490      500      510      520      530      540      550
inputs CCCCCGACCCCTGGACTCACAGCAGCTCCACAGTGGGGGTTCCAGGCCCTGTCCCTGTGGGCCCCGTGA
      ::::: :::::

```

FIGURE 8a

```

--CCGGA-----GA-----AGTATGAAGATCAAGAC---TTTCTCTT-----CATT-
                                200      210      220

560      570      580      590      600      610      620
inputs  ACCCCAGCCACAGGTGGAGGTTACATGCTATTACTATTATATGAACACCCCCAGGTGTGGTCCCACCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
--CCAACCATGGAAAGAAAGTA---ATGCT-----GGAC-----GGTAT-----
      230      240      250                                260

630      640      650      660      670      680      690
inputs  CAGTGACCCCTGGAGATTCTGCCCTCAGGCGTGTCTAGGAAGCCCTCCCTCCTGACCCCTGCAGGGCCCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CGATG---CTCTTA-----TCAGA-----ATGGGAGTC-----ACTGGTCTCT
      270                                280                                290

700      710      720      730      740      750      760
inputs  CTCCTGGCCCTGGGCGAGCCCTGACCCCTCAGTGTGGCTCTGATGTGGCTACGACAGATTGTCTGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-----CCCAAG-----TGACCAGCTTGAG-----CTAATT---GCTAC-----
      300                                310                                320

770      780      790      800      810      820      830
inputs  ATAAAGGAGGGGGAACGTGACTTCCTCCAGCCCTGGCCAGCAGCCCCAGGCTGGGCTCTCCAGGCCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
---AGGTGTGTATGCTAAAC---CTTC-----ACTCTC-----
      330      340                                350

840      850      860      870      880      890      900
inputs  CTTCACCCCTGGCCCTGTGAGCCCTCCACGGGGGCCAGTACAGGTGCTATGGTGACACAACTCTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-----AGCTCATCCCA-----GCT-----
      360

910      920      930      940      950      960      970
inputs  TCCGAGTGGTCCGCCCCCAGCGACCCCTGAACATCCTGATGGCAGGACAGATCTATGACACCGTCTCCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-----CAGCAGTCCC-----TC---AAGGCAGG---GAT---GTGACTCTGA-----
      370                                380      390      400

980      990      1000      1010      1020      1030      1040
inputs  TGTACGACAGCCCGGGCCCCACAGTGGCCCTCAGGAGAGAACGTGACCCCTGCTGTGTCAGTCATGGTGGCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AGT-----GCCAGAGCCATA-----CAGTTTGTATGA---
      410                                420

1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
inputs  GTTTGACACITTCCTTCTGACCAAGAGGGGCGAGCCCATCCOCCACTGGTCTGAGATCAATGTACGGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
---ATTGTTCTATACAAAGAGGGG---AT---ACTGGGCTTATA---AGAGACCTGA
      430      440      450                                460      470

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180

```

FIGURE 8b

FIGURE 8c

1750 1760 1770 1780 1790 1800 1810
inputs GCTGCTGCATCTGAAGCCTCCCAGGATGTGACCTACGCCCAGCTGCACAGCTTGACCCCTTAGACGGAAGG
:: :::::.. :::::.. :::::.. :::::..
GC--CTGCAACA-----CAGGATGAGA-----GCTTTGC-----AAAGG
890 900 910

1820 1830 1840 1850 1860 1870 1880
inputs CAACTGAGCCTCCTCCATCCCAGGAAGGGGAACCTCCAGCTGAGCCCAGCATCTACGCCACTCTGGCCAT
: ::::: ::::: ::::: :::::~
CCACTA-----CCACC-----CCTCC-----CACTGGCC--
920 930

1890
inputs CCAC

FIGURE 8d

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
 version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
 > mT268 a.a. 313 aa vs.
 > GenPept U91928 - Human clone HL9 monocyte inhib 631 aa
 scoring matrix: paml20.mat, gap penalties: -12/-4
 20.3% identity; Global alignment score: -802

```

      10      20      30      40      50      60
inputs MSPA SPTFFCIGLCVLQVIQTQSGPLPKPSLQAQPSLVPLQGSVILRCQGPDPVDLYRLEKL-KPEYK
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      MTPALTALLCLGLSLGPRTRVQAQPFKPTLWAEPCGSLVSHGSPVTIWCQGSLEAQEYRLDKEGSPEPLD
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100     110     120     130
inputs DQDFL-----F-IPHERSHAGRYRCSYQNGSHWSLPSDQLELIATGVYAKPSLSAHPSSAVPQQRDV
      ..:  :  :::  :::::  :  :::  :::::  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :
      RNNPLEPKNKARFSIPSHTEHAGRYRCHYYSSAGHSEPSOPLELVHTGTFYNKPTLSALPSPVVASGGIM
      80      90      100     110     120     130     140

inputs TLKC--QSPY-----
      :::  :  :
      TLRCSQKGYHMFVLHKEGEHQLPRTLDSQQLHSGGFQALFPVGPVNPISHRWRTTCYYYYHNTPTQVWSHP
      150     160     170     180     190     200     210

      140     150
inputs -----SFDEFVLYKEGD-----
      ..:  :::::
      SOPLEILPSCGVSRRKPSLLTLQGPVLAPQSSLTQCGSDVGYDRFVLYKEGERDFLQRPQQPQAGLSQAN
      220     230     240     250     260     270     280

      160
inputs -----TGPIK-----RP-----EKW--
      :::  :  :
      FTLGPVSPSHGQYRCYCAHNLSSSEWSAPSOPNLHAGQIYDTVSLSAQPGPTVASGENVILLCSHQQ
      290     300     310     320     330     340     350

      170     180     190     200
inputs -----YRANFPIITVTAHSGTYRCYSFSSSSPYLWSAPSDFLVLVVTG
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      FDTLLTKEGAHPPLRLRSHYCAHXYQAEFPSPVTSAHAGTYRCYGSYSSNPRLLSFPSEPLELHVSG
      360     370     380     390     400     410     420

      210     220
inputs LSATPSQVPTES-----FPV-----
      :::  :  :
      HSGGSSLPTGPPSTPGLGRYLEVLIGVSAFVLLFLFLFLLRQRHSHKRTSDQRKTDQRPAGAAE
      430     440     450     460     470     480     490

      230     240     250     260     270
inputs TESS-----RRPS-----ILPTNKISTTEKPHNI-TASPEGLSP-PIGFAR--QHYAKNLVR--I
      :::  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :

```

FIGURE 9a

24

FIGURE 9b

Alignments of top-scoring domains:
 1g: domain 1 of 2, from 42 to 91: score 10.2, E = 1.4

```

      *->GesvtLtCsvgfgppgvsvtWYfkngk.lgpsllgysysrlesgek
mT268 42  G+sv L+C+          ++v y + k ++          +++e +
      GQSVILRCQGP-----PDVDLY-RLEKIKP-----EKYEDQ-- 71

      anlsegfrfsissltLtissvekeDsGtYtCvv<-+
mT268 72  L i + e++++G Y+C
      -----DFLEIPTMERSNAGRYRCSY          91
  
```

FIGURE 10A.

ig: domain 2 of 2, from 128 to 183: score 9.6, E = 1.6
 *->GesvtLtCsvgfgppgvsvtWYfkngk.lgpsllgysysrlesgek
 G +vtL C++ ++ y k+g++ + y+r+e +
 MT268 128 GRDVTCLKCQSP---YSFDEFVLY-KEGDtGP-----YKRPEKW-Y 162
 anlsegrfsissltLtissvekeDsGtYtCv<-+
 + . ++i++v++ sGLY+C
 MT268 163 RA-----NFPIITVTAHSGTYRCYS 183

FIGURE 10B

ALIGN calculates a global alignment of two sequences

version 2.0 Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

> hT268 a.a. 339 aa vs.

> mT268 a.a. 313 aa

scoring matrix: p22120.mat, gap penalties: -12/-4

64.4% identity; Global alignment score: 1011

```

      10      20      30      40      50      60
inputs HSPSPALFCLGLCLGRV-PAQSGPLPKPSLQALPSSSLVPLEKPVTLRCQGPVVDLYRLEKLSSSRYQD
      ..... : ..... : ..... : ..... : ..... : .....
      HSPASPTFFCIGLCVLOVIQTQSGPLPKPSLQALPSSSLVPLGQSVILRCQGPVVDLYRLEKLNPEKYED
      10      20      30      40      50      60      70

      70      80      90      100     110     120     130
inputs QAVLFIPAKPSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGVFAKPSLSAQPGPAVSSGGDVTLCQQTAYG
      ..... : ..... : ..... : ..... : ..... : .....
      QDFLFIPAKPSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGVFAKPSLSAQPGPAVSSGGDVTLCQQTAYG
      80      90      100     110     120     130     140

      140     150     160     170     180     190     200
inputs FDQFALYKEGDPAPYKNERWYRASFPPIITVTAHSGTYRCYSFSSRDPLYWSAPSDPLELVVTGTSVTP
      ..... : ..... : ..... : ..... : ..... : .....
      FDEFVLYKEGDTGPYKRPEKWRANFPPIITVTAHSGTYRCYSFSSRDPLYWSAPSDPLELVVTGTSVTP
      150     160     170     180     190     200     210

      210     220     230     240     250     260     270 ↓
inputs SRLPTEPPSSVAEFSEATAELTVSFINKVTTETSRISITTSPEKESDSPAGPARQYTKGNLVRICLGAVI
      ..... : ..... : ..... : ..... : ..... : .....
      SQVPTEESFPVTESSRRPSILP---TNKISTTEKPNITASPEGLSPPIGFHGHYAKGNLVRICLGATI
      220     230     240     250     260     270

      280     290     300     310     320     330
inputs LIILAGFLAEDWHSRRLRLHHRGRAVQRPLPPLPPLPQTRKSHGGQDGRQDVHSRGLCS
      ..... : ..... : ..... : ..... : .....
      LIILAGFLAEDWHSRRLRLHHRGRAVQRPLPPLPPLPQTRKSHGGQDGRQDVHSRGLCS
      280     290     300     310

```

FIGURE 11

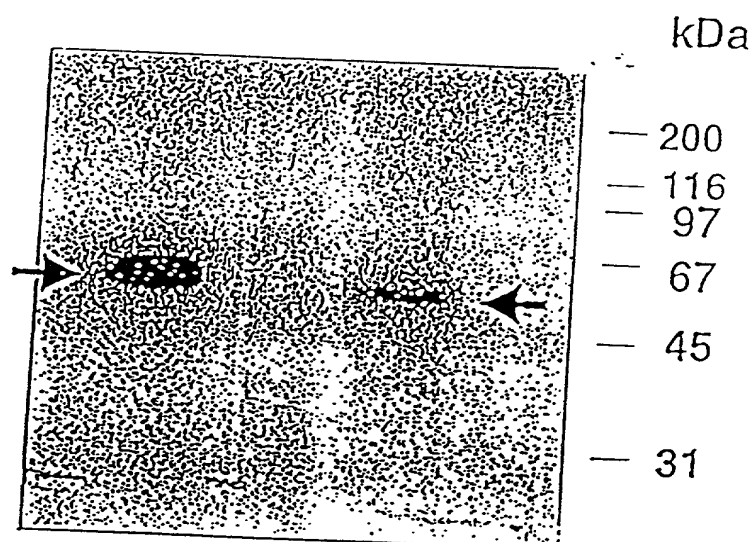


FIGURE 12

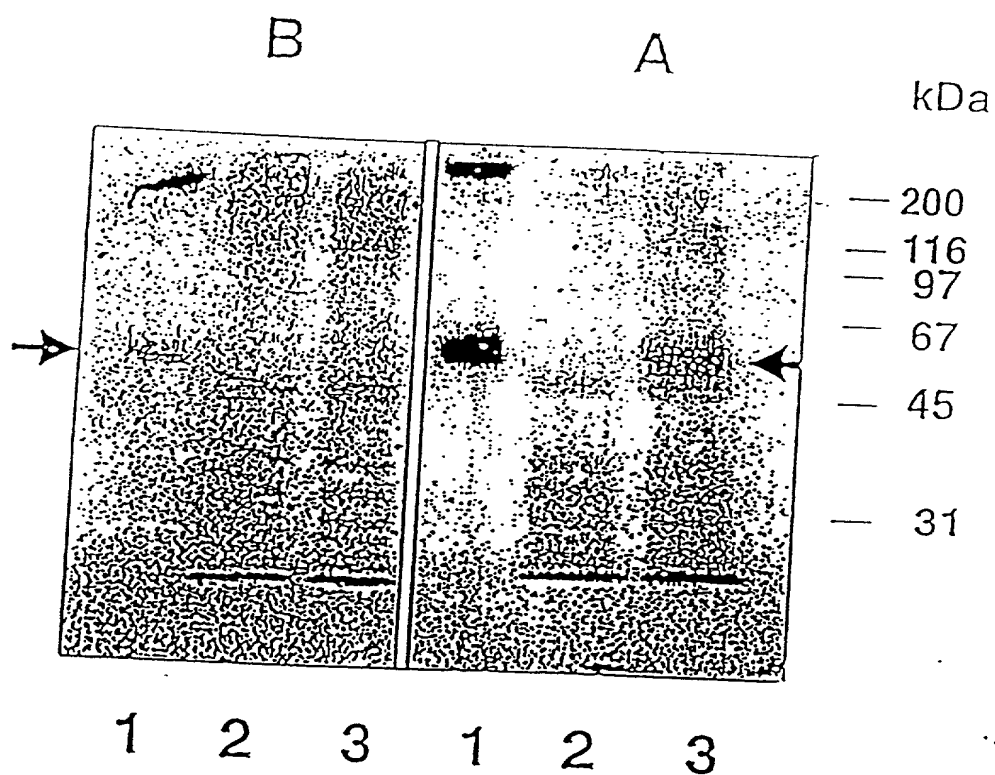


FIGURE 13

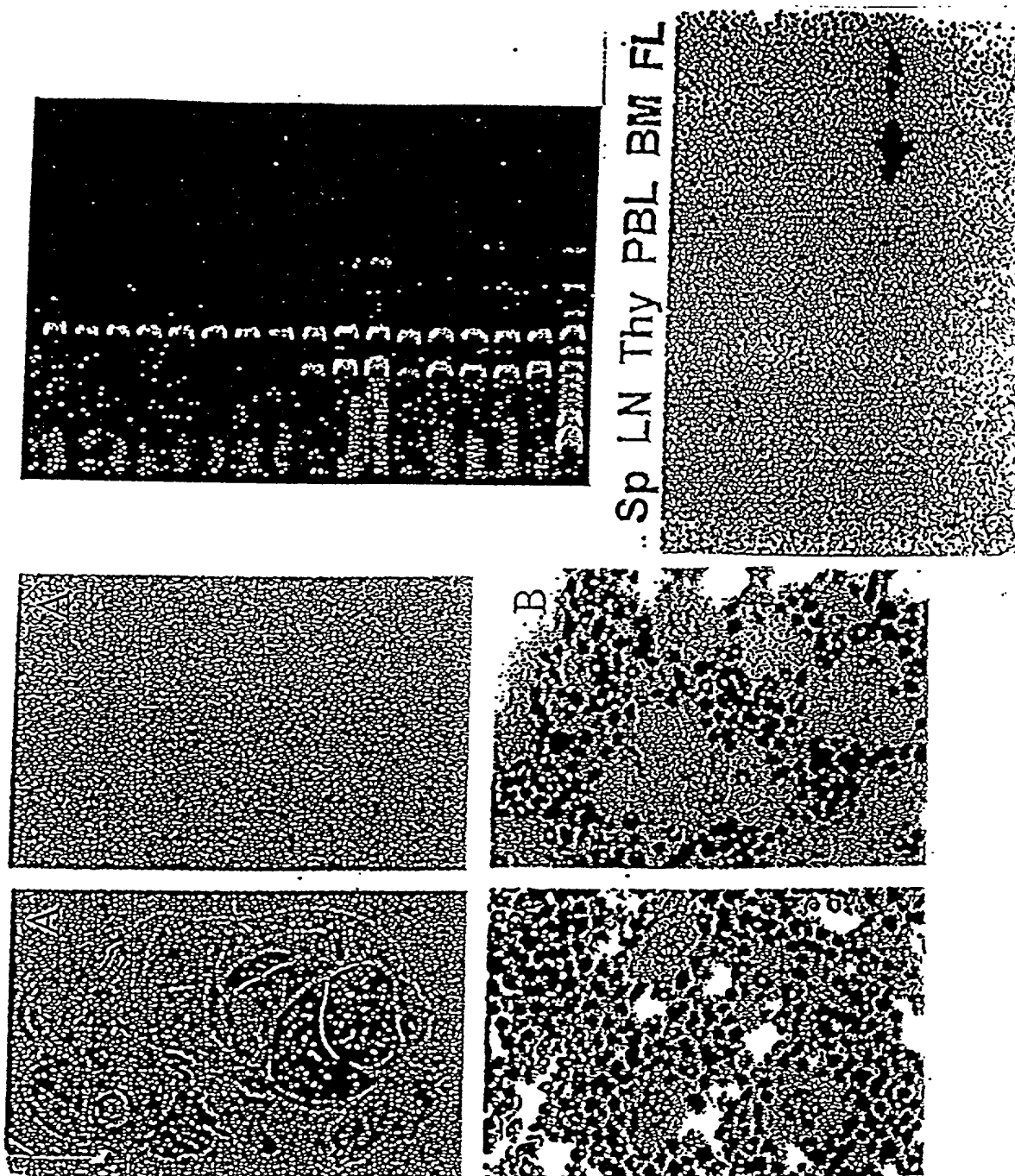


FIGURE 14

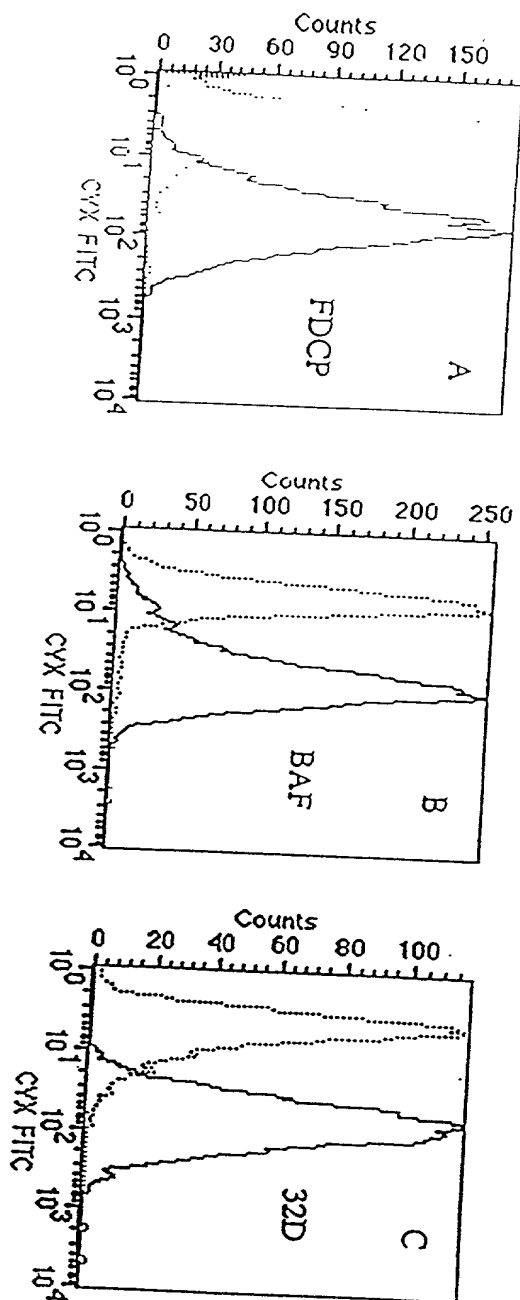


FIGURE 15

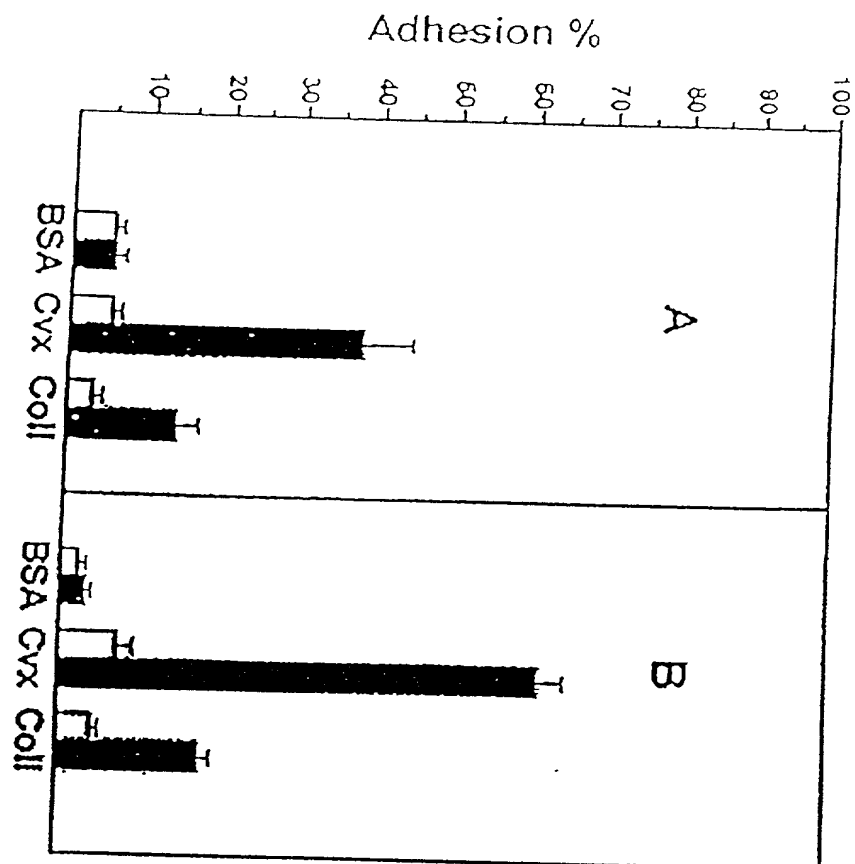


FIGURE 16

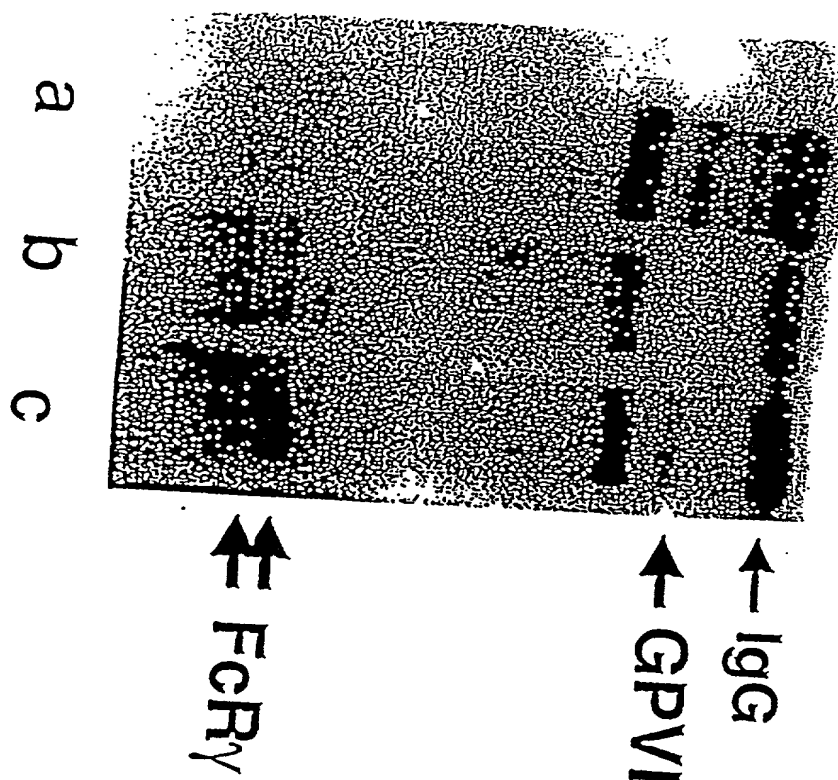


FIGURE 17

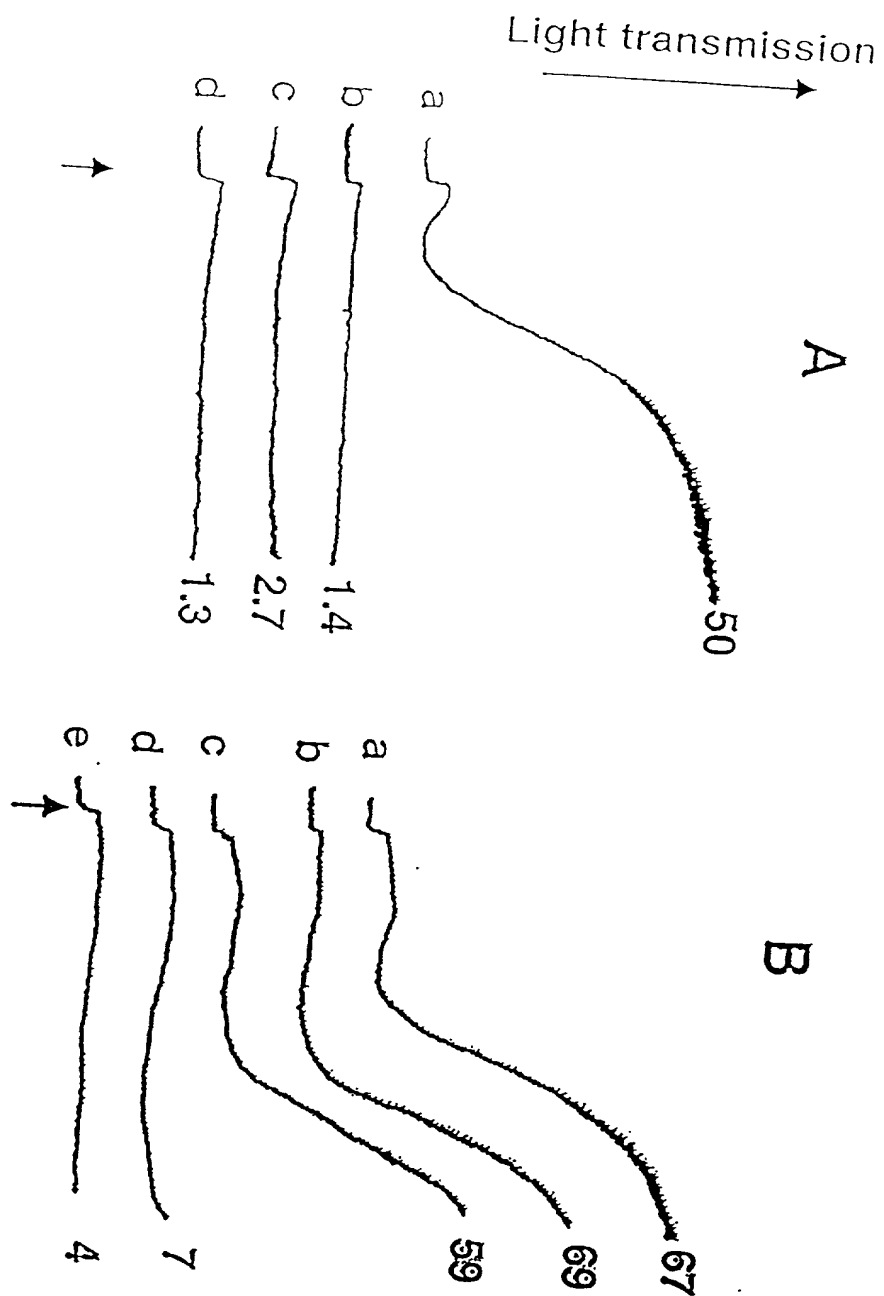


FIGURE 18

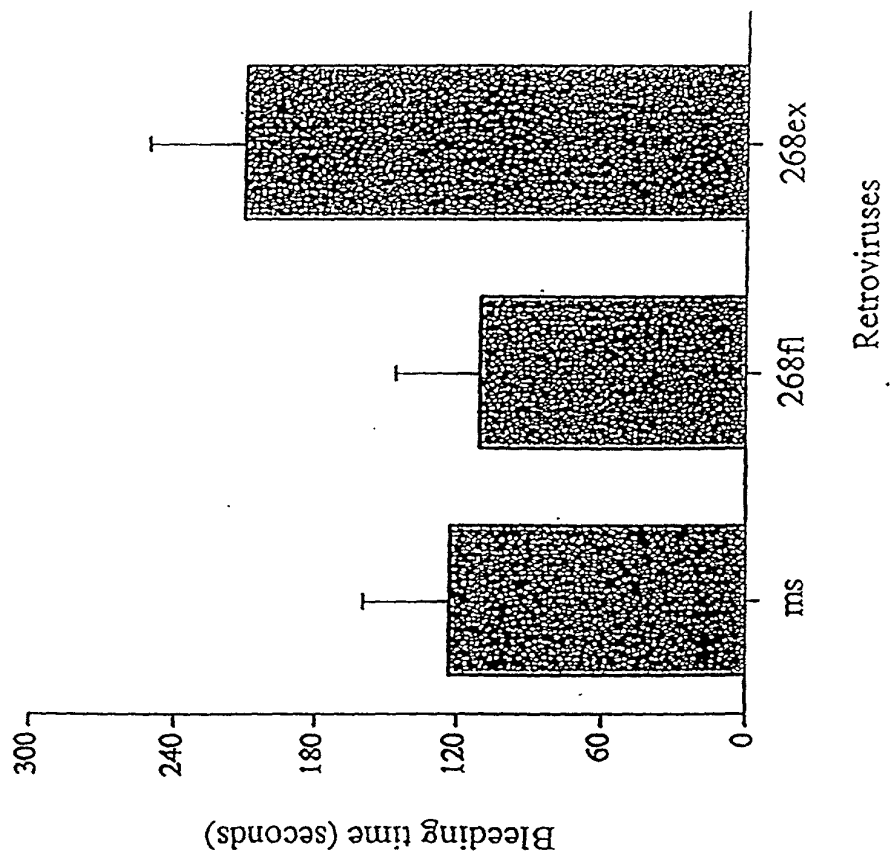


FIGURE 19

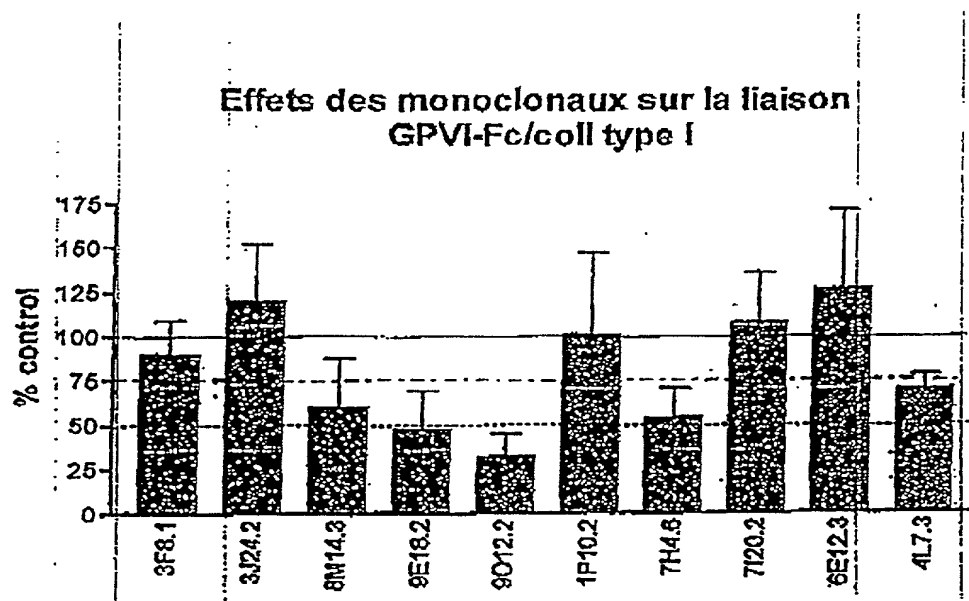


FIGURE 20

Effet des monoclonaux sur la liaison
GPR-1c / Convolvine

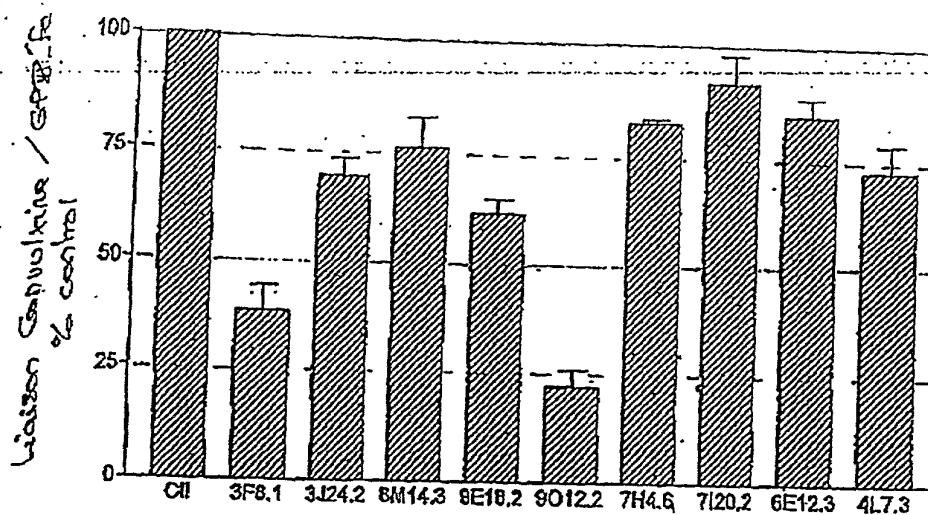


FIGURE 21

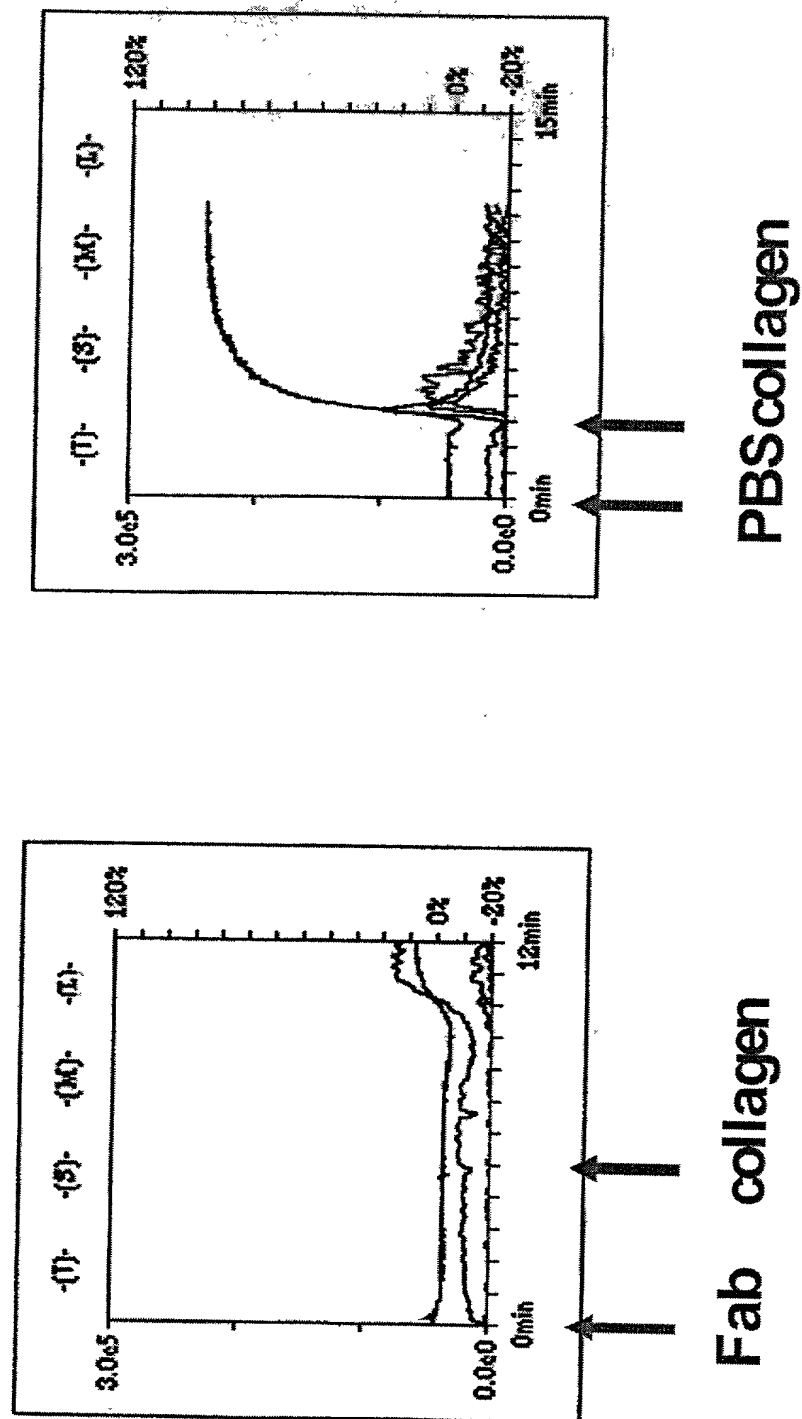


FIGURE 22

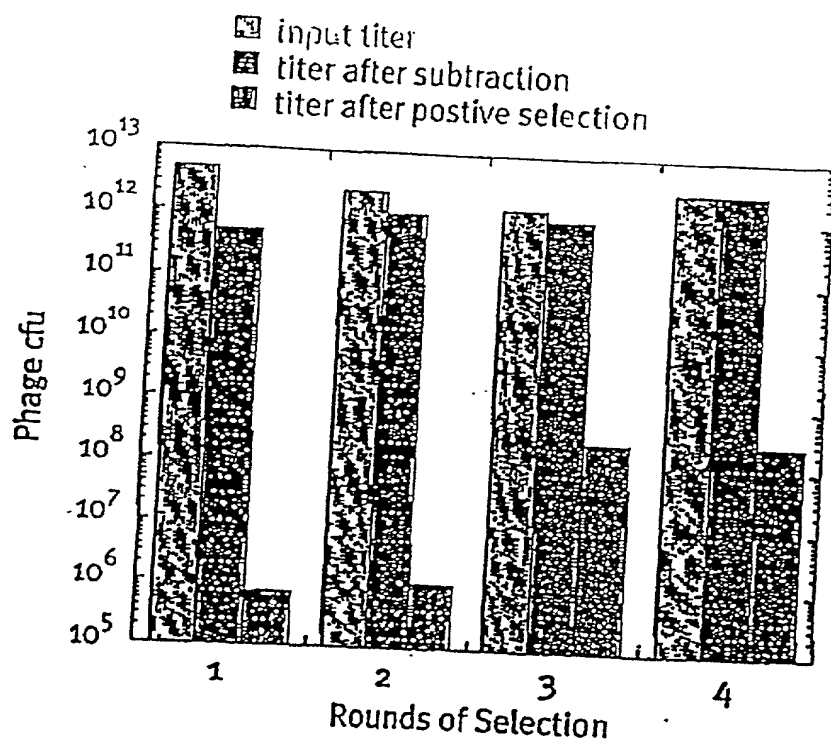


FIGURE 23

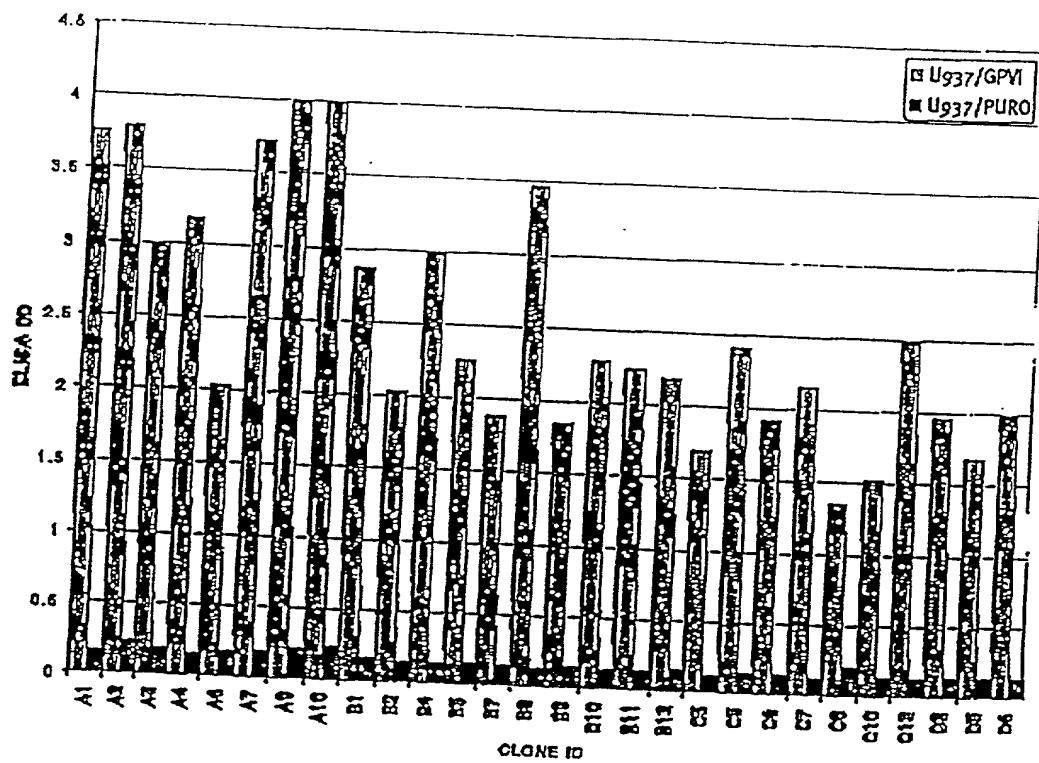


FIGURE 24a

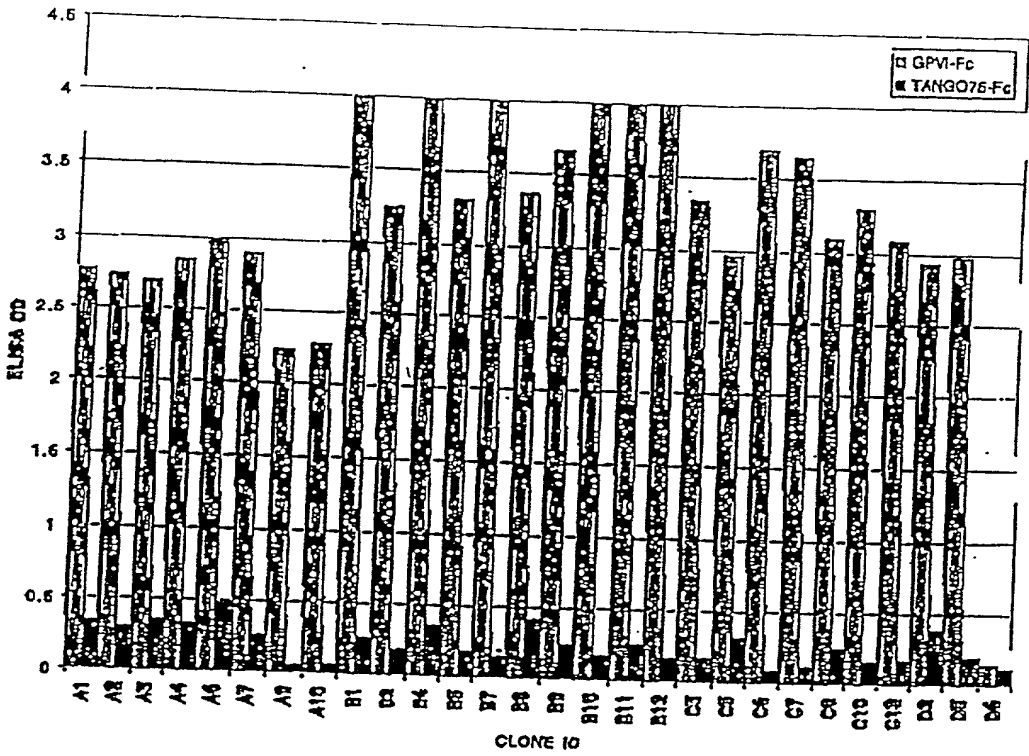


FIGURE 24b

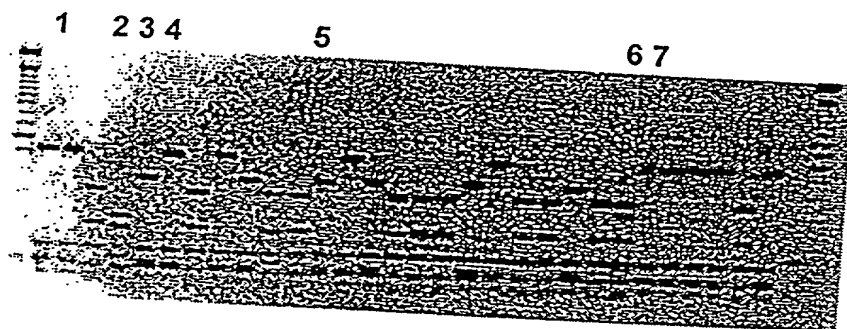
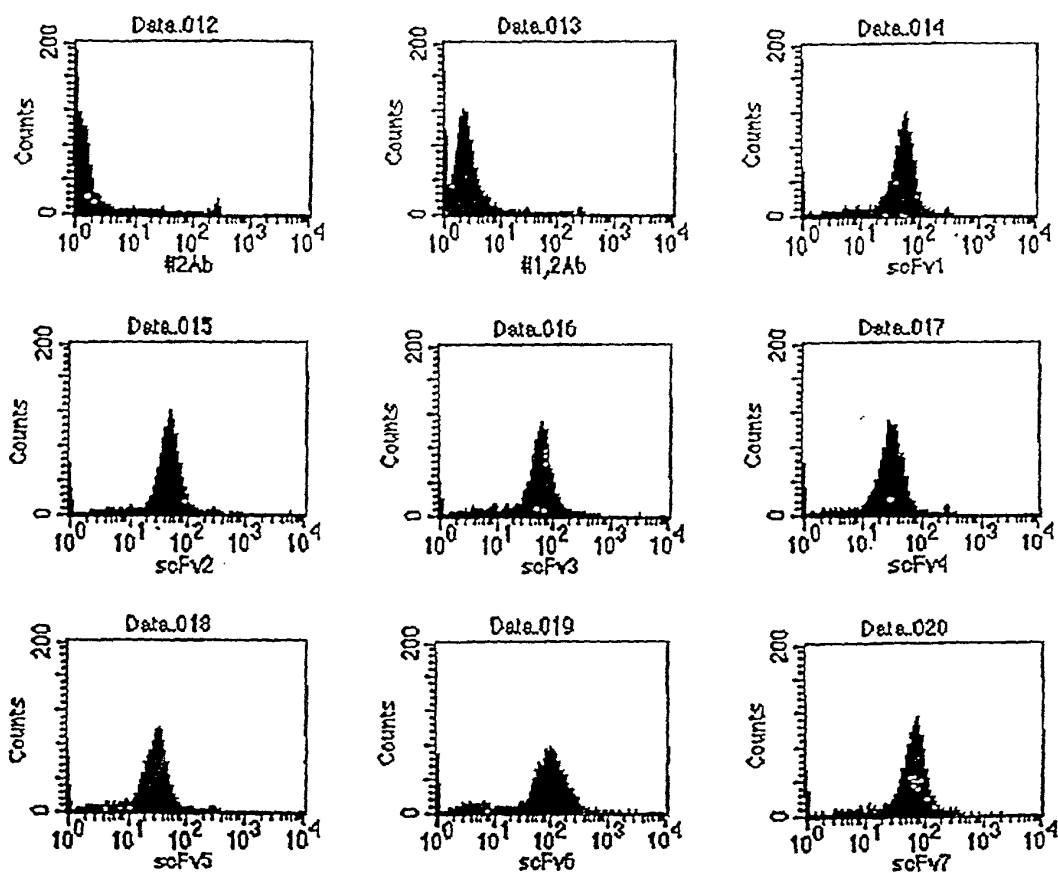


FIGURE 25



scFv1:A4
scFv2:B4
scFv3:A9
scFv4:C3
scFv5:C9
scFv6:C10
scFv7:A10

FIGURE 26

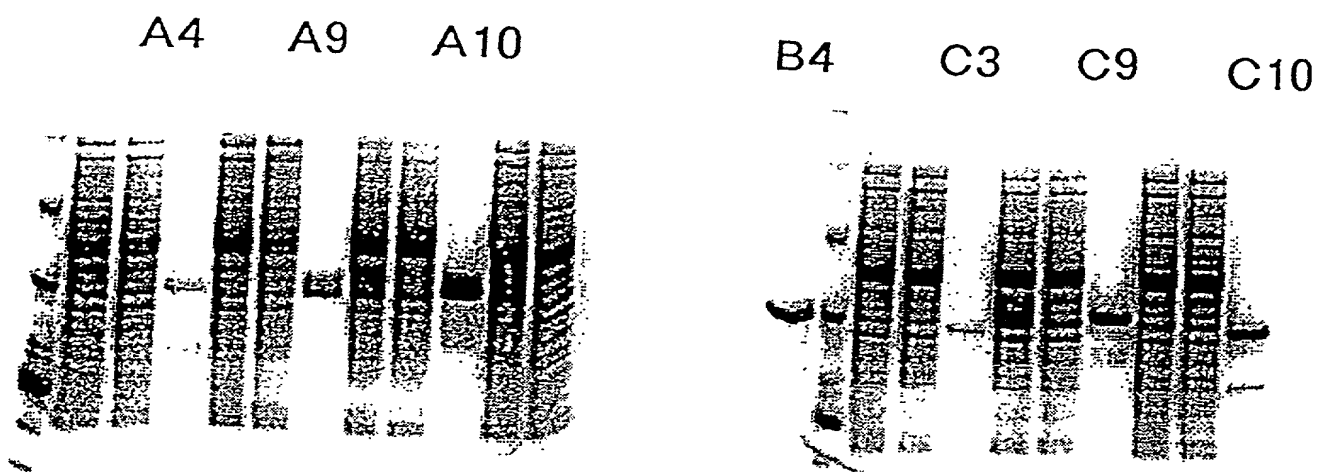


FIGURE 27

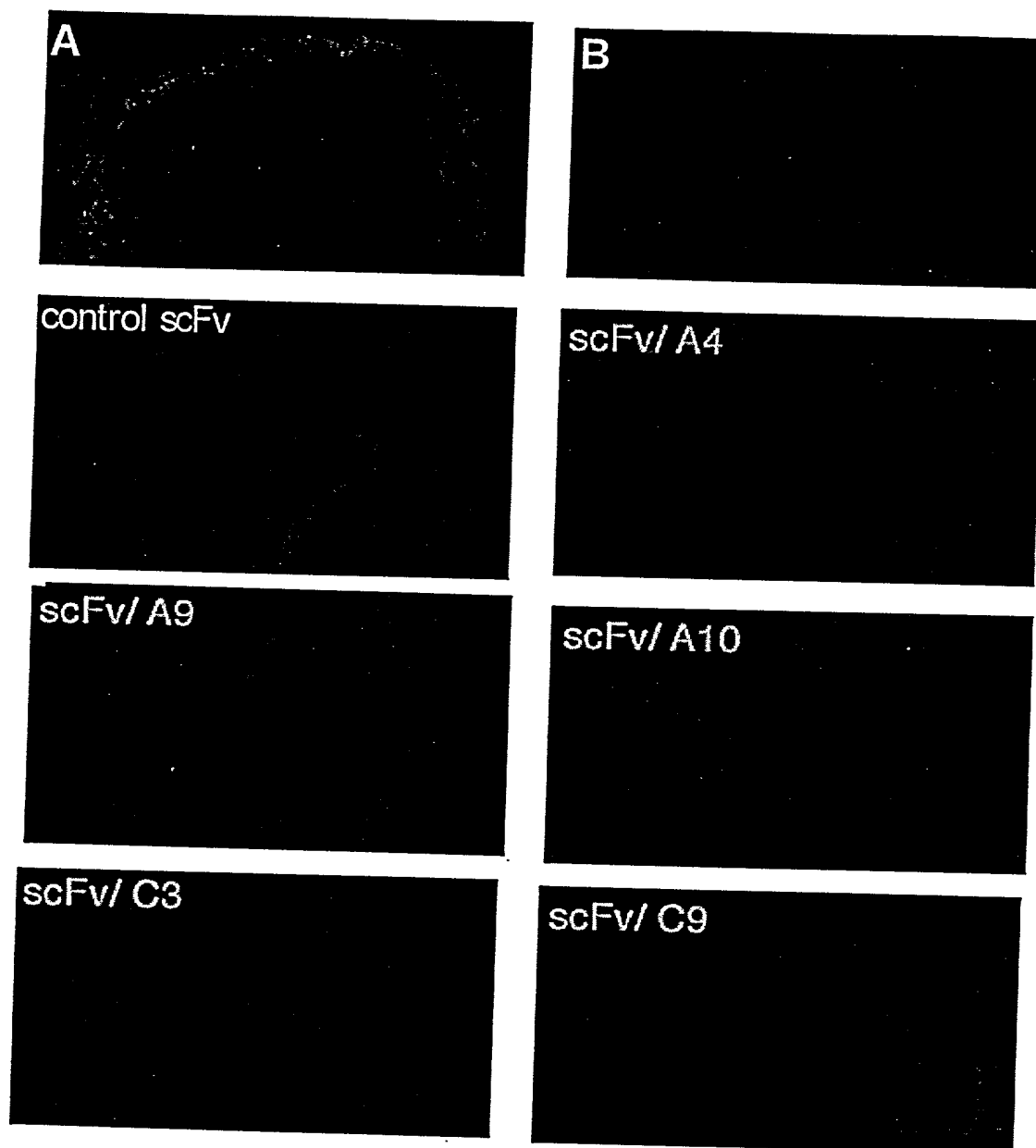


FIGURE 28

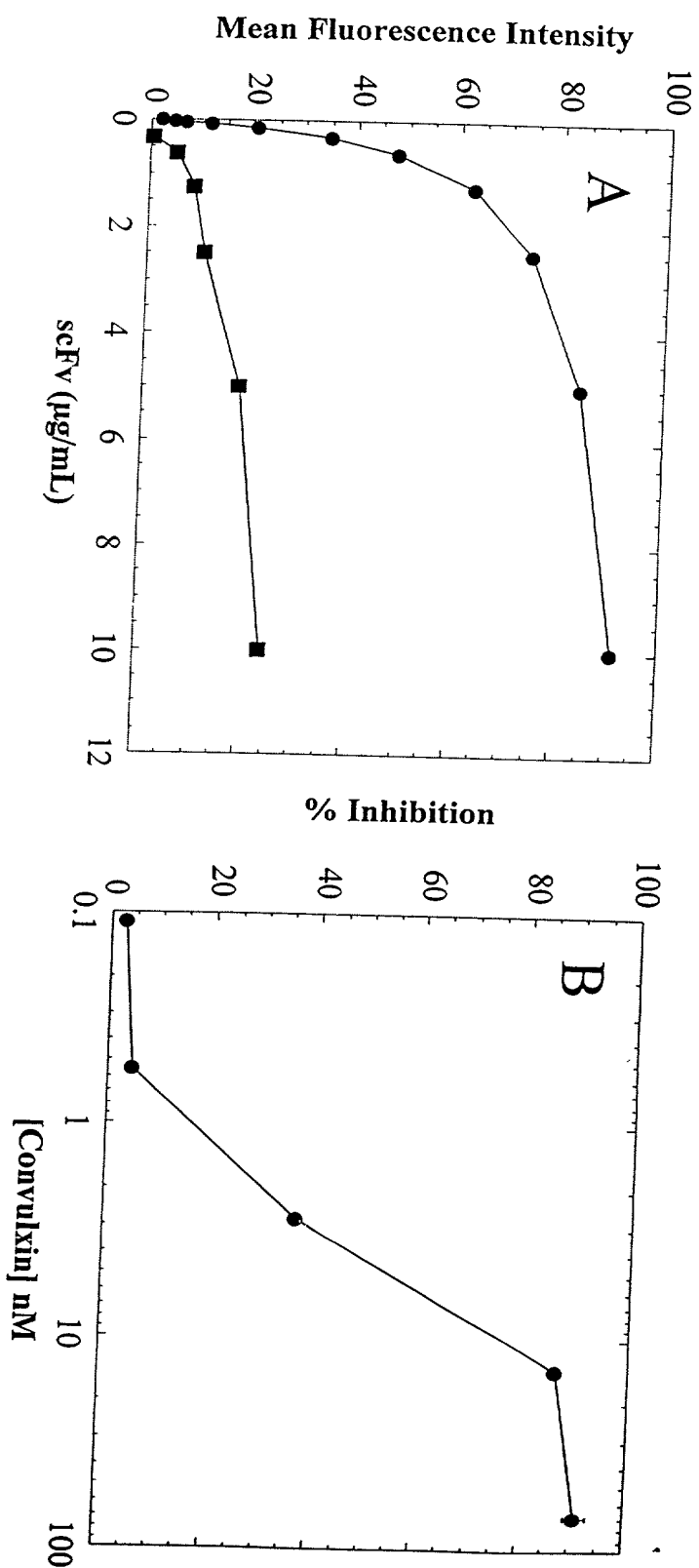


FIGURE 29

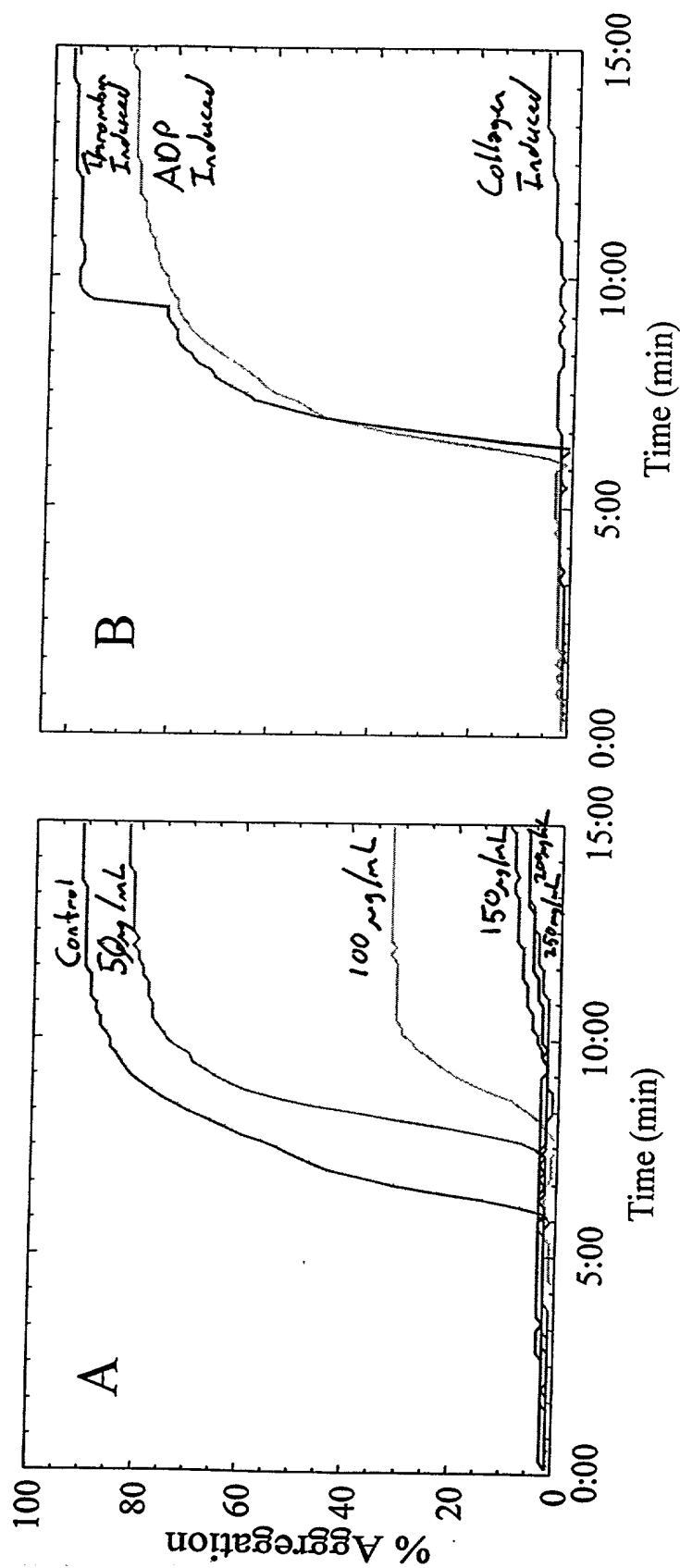


FIGURE 30